

1/14

Figure 1

1 agatcatgcacatcggtgagccgcttgggggg  
 31 cgagacggctcgatggctcccccggagcggggcacgcgggctcgatgaagtactcc 18  
 85 cctgtcttcaacttctgcgcacggatctccttgggtcggtccaagccgaaa  
 139 cctagctccggggacctccctcgccccggggagctcgccccgagaagccctac  
 193 cccgcggatcgacgcgtcgccggcgctcgccggcgccggcgaggtacaaggcc  
 247 atgtccccggcgccgtcgccatctcgccgactgtccatccatccccggcc  
 M S P A R L P I S R E S C L T I P A 18  
 301 ggcttcagccccctcagcgctccctcgactccccctgtgcctcaccacttcaag  
 G F S P S A L L D S P V L L T N F K 36  
 355 gttgaacccatcaccacaactggtagtctggcatggctgcgattctgcacaag  
 V E P S P T T G S L G M A A I L H K 54  
 409 agcgctcatccagacatgcgtccctcgccacgggataaaatctgtcgtaatgcc  
 S A H P D M L P S P R D K S V R N A 72  
 463 catgaagataggggttctagggattttgaattcaaggcctcatctgaattcgtct  
 H E D R G S R D F E F K P H L N S S 90  
 517 tctcaatcaactggctctgtatgatctaaaaaaacatgagcattctatg  
 S Q S L A P A M S D L K K H E H S M 108  
 571 caaaatcagagttatgaatcccagctcatcttagcaatatggtaatgaaaac  
 Q N Q S M N P S S S S N M V N E N 126  
 625 agacccctccgttacgttagtgcgttacatgtatgtatgtgcgtcagaac  
 R P P C S R E S S L T V N V S A Q N 144  
 679 caacctgttggatgggttgcgttagtgcacatgcgtctgtatgtatgtatgt  
 Q P V G M V G L T D S M P A E V G T 162  
 733 tctgagccgcagcagatgaatagctctgacaatgccatgcagagccgcagtc  
 S E P Q Q M N S S D N A M Q E P Q S 180  
 787 gaaaatgttgcgtgacaagtcggcagatgtatggctacaactggggaaatacggg  
 E N V A D K S A D D G Y N W R K Y G 198  
 841 cagaagcatgtcaagggaaatgtatggatggatggatggatggatggatggat  
 Q K H V K G S E N P R S Y Y K C T H 216  
 895 cctaattgtgaagtaaaaaagctatggagcgtgcagttatgtatgtatgtatgt  
 P N C E V K K L L E R A V D G L R T 234  
 949 gaagttgtctataagggacgccacaatcatcttaagccccagccaaataggagg  
 E V V Y K G R H N H P K P Q P N R R 252  
 1003 ttagctgggtgcagttcttcaaaccagggtgaagaacgatatgacggcgct  
 L A G G A V P S N Q G E E R Y D G A 270  
 1057 tcagctgtatgataatcttccatgtcttagcaacccttgctatccggta  
 S A A D D K S S N A L S N L A N P V 288  
 1111 cattcgctggatgggtgagcctgttccagctttagatgtatgtatgtatgt  
 H S P G M V E P V P A S V S D D D I 306  
 1165 gatgctggagggtgaaagaccctaccctggggatgtatgtatgtatgtatgt  
 D A G G G R P Y P G D D A T E E E D 324  
 1219 ttagactcgaaacgcaggaaaatggaggatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 L E S K R R K M E S A G I D A A L M 342  
 1273 gttaaacactaaccgtgagcccggtcgatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 G K P N R E P R V V V Q T V S E V D 360  
 1327 atcttggatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 I L D D G Y R W R K Y G Q K V V K G 378  
 1381 aaccccaatccacggatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 N P N P R S Y Y K C T S T G C P V R 396  
 1435 aagcatgttgcggatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 K H V E R A S H D P K S V I T T Y E 414  
 1489 gaaaaacataaccatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 G K H N H E V P A A R N A T H E M S 432  
 1543 ggcgcctccatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 A P P M K N V V H Q I N S N M P S S 450  
 1597 attgggtggcatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 I G G M M R A C E A R N Y T N Q Y S 468  
 1651 caggcggtgaaaccgcacactgtcgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 Q A A E T D T V S L D L G V G I S P 486  
 1705 aaccacacgcgcacaaaccatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 N H S D A T N Q M Q S S G P D Q M Q 504  
 1759 tatcaaataaccatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 Y Q M Q T M G S M Y G N M R H P S S 522  
 1813 atggcagcgcacggatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 M A A P A V Q G N S A A R M Y G S R 540  
 1867 gaagagaaaatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 E E K G N E G F T F R A T P M D H S 558  
 1921 gctaaccatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 A N L C Y S S A G N L V M G P \* 573  
 1975 atgagatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2029 ctttgcataatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2083 gttacaatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2137 gcaatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2191 atgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2245 attagattatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2299 ttatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgtatgt  
 2353 aa

2/14

f. b. err1	-----MAASSCEIDAPTAASSSSFTS-----	TASFSIHSSTFDL	--IASDFIICCSV	43
L. e. hyp	HCGGTGDRVALIGDQHCGPSSRFTS	GGGSRLLSPDGHLTS	-CHIASCFQCRHCS	59
L. e. wrky	HCGGFDWVALIGDQHCGPSSRFTS	GGGSRLLSPDGHLTS	-CHIASCFQCRHCS	59
W. t. wrky	HCGGFDWVALIGDQHCGPSSRFTS	GGGSRLLSPDGHLTS	-CHIASCFQCRHCS	60
A. t. put	-----	-----	-----	
A. t. unk	-----	-----	-----	
A. t. d-1	-----	-----	-----	
A. t. nfp	-----	-----	-----	
A. t. wrky20	-----	-----	-----	

I. b. <i>gff1</i>	FAIGC	GLIPLKETGCVFVKFESLPLPESLPL	73
I. e. <i>hyp</i>	SCGDVDTAPAAISERGPQFVLEVEFSGQKQISQCGGLR	LEKATCAGTKEKLEATSEIYKPADL	119
I. e. <i>hyp</i>	SCGDVDTAPAAISERGPQFVLEVEFSGQKQISQCGGLR	LEKATCAGTKEKLEATSEIYKPADL	119
I. e. <i>wky</i>	SCGDVDTAPAAISERGPQFVLEVEFSGQKQISQCGGLR	LEKATCAGTKEKLEATSEIYKPADL	119
I. e. <i>pat</i>	SDQAGADATTVK	SDQAGLSSKGCLLGRATCAGTKEKLEATSEIYKPADL	109
I. e. <i>usn</i>	-----	-----	-----
I. e. <i>d-1</i>	-----	-----	-----
I. e. <i>hyp</i>	-----	-----	-----
I. e. <i>wky10</i>	-----	-----	-----
I. e. <i>wky10</i>	-----	-----	-----

I. b. spp1	SPAVES-SIPIAFPPGLSFPI-LLSPVPLI-SL-SH	WPSPIQCPFAQ	119
I. b. bry	QNGCWRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SL	WPSPIQCPFAQ	165
I. b. bry	QNGCWRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SL	WPSPIQCPFAQ	165
I. b. wrky	QNGCWRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SL	WPSPIQCPFAQ	165
A. t. pat	-----	WPSPIQCPFAQ	159
A. t. unk	-----	WPSPIQCPFAQ	17
R. c. d-1	-----	WPSPIQCPFAQ	17
A. t. bry	KLPIFGRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SK-KKVVPPFKSCLLQDQ-CPFPITGQ	WPSPIQCPFAQ	103
A. t. wrky20	KLPIFGRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SK-KKVVPPFKSCLLQDQ-CPFPITGQ	WPSPIQCPFAQ	103
G. v. cusu20	KLPIFGRSP-PI-TPPPGLSFPI-LLSPVPLI-SK-KKVVPPFKSCLLQDQ-CPFPITGQ	WPSPIQCPFAQ	103

I. b. SP1	FRKA	MEQASQDVQ	-----	EEKQKQFQGQNSGKQGKQF	-----	162
L. e. bry	GION	-----	-----	-----	-----	217
L. e. bry	GIES	-----	-----	-----	-----	217
L. e. bry	GIES	-----	-----	-----	-----	217
A. t. put	-----	-----	-----	-----	-----	22
A. t. unk	-----	-----	-----	-----	-----	65
R. e. d-1	-----	-----	-----	-----	-----	65
A. t. bry	-----	-----	-----	-----	-----	151
A. t. wrky10	-----	-----	-----	-----	-----	151
M. v. SIV12	-----	-----	-----	-----	-----	151

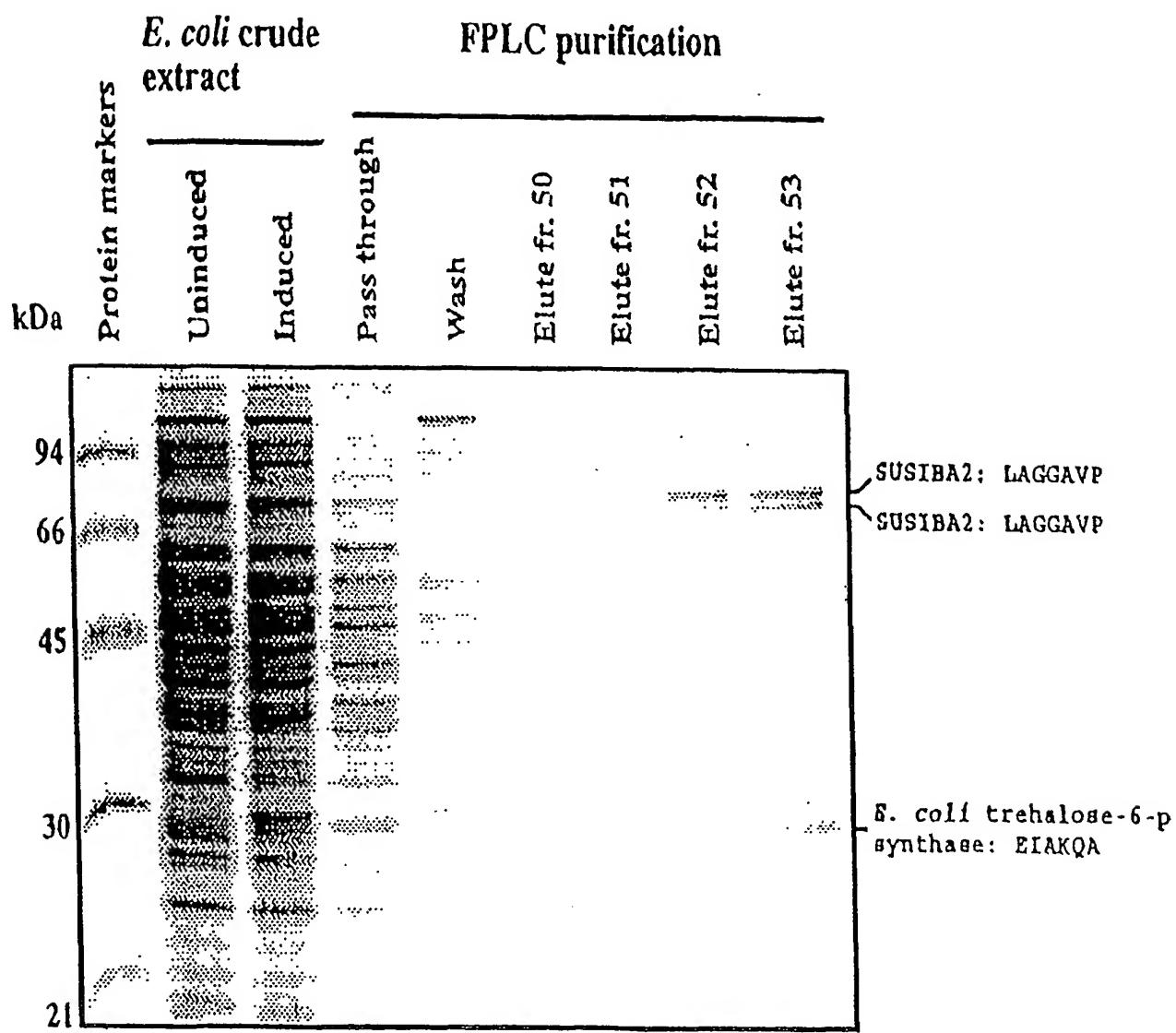
L. b. spp1	RDD-----	LGDVYTA-----	549
L. b. hry	KVVERLSDOP-----	GPTAATQDQIISNLVIGCFK	739
L. b. hry	KVVERLSDOP-----	GCTATQDQIISNLVIGCFK	739
M. t. wcky	KAATPMSOPGLDLSHGCSSTIQQQT-----	NSLIVIGCFK	727
A. t. put	-----	NSLIVIGCFK	485
A. t. unk	-----	NSLIVIGCFK	485
A. t. r-1	-----	NSLIVIGCFK	486
A. t. hry	-----	NSLIVIGCFK	571
A. t. wcky10	-----	NSLIVIGCFK	557
M. t. SUSYR2	-----	NSLIVIGCFK	557

Red

Pink

**BEST AVAILABLE COPY**

3/14

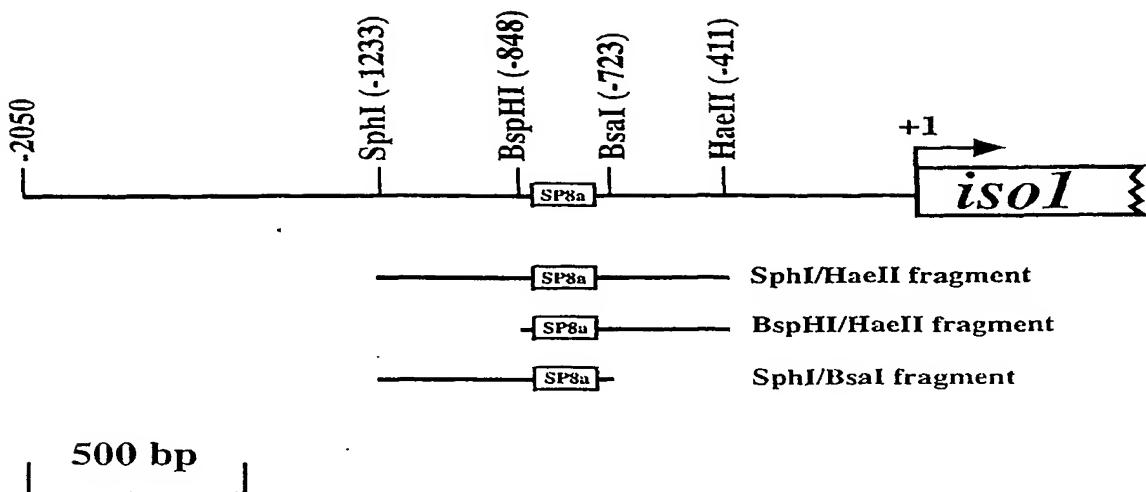
Figure 3

BEST AVAILABLE COPY

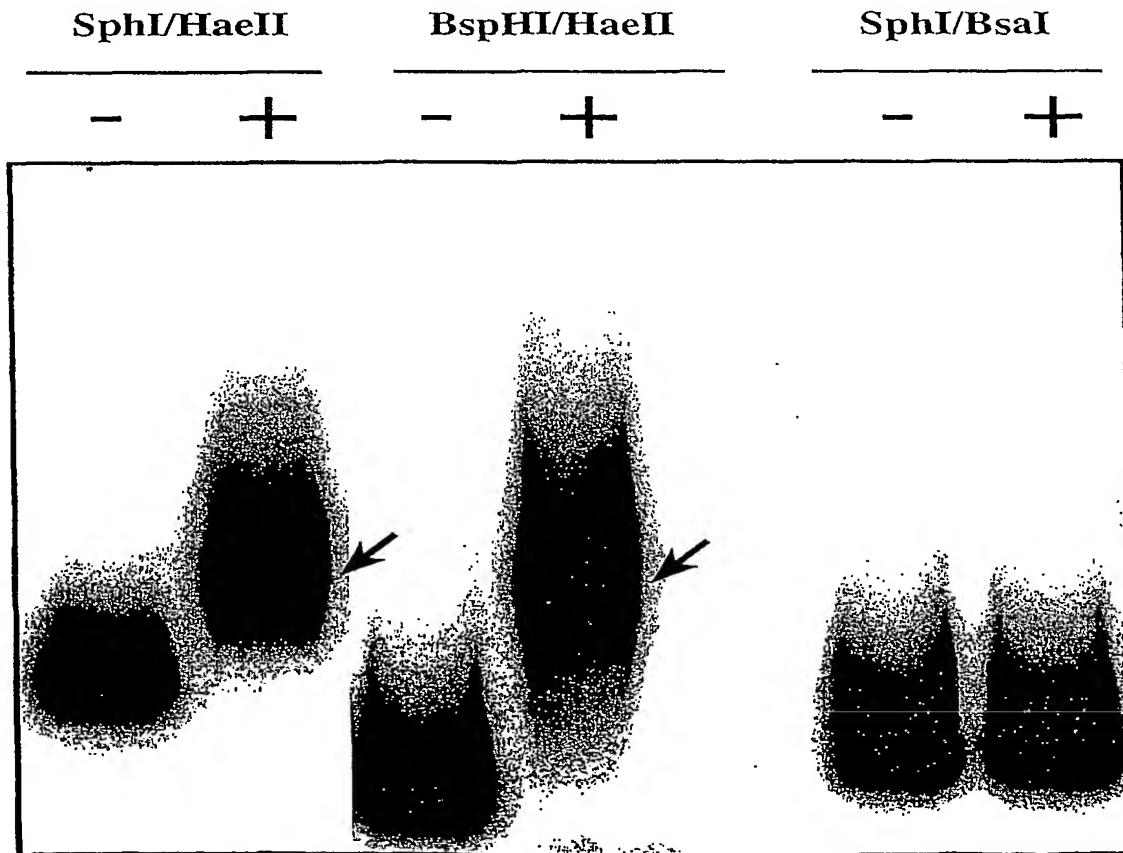
Figure 4

A

BEST AVAILABLE COPY



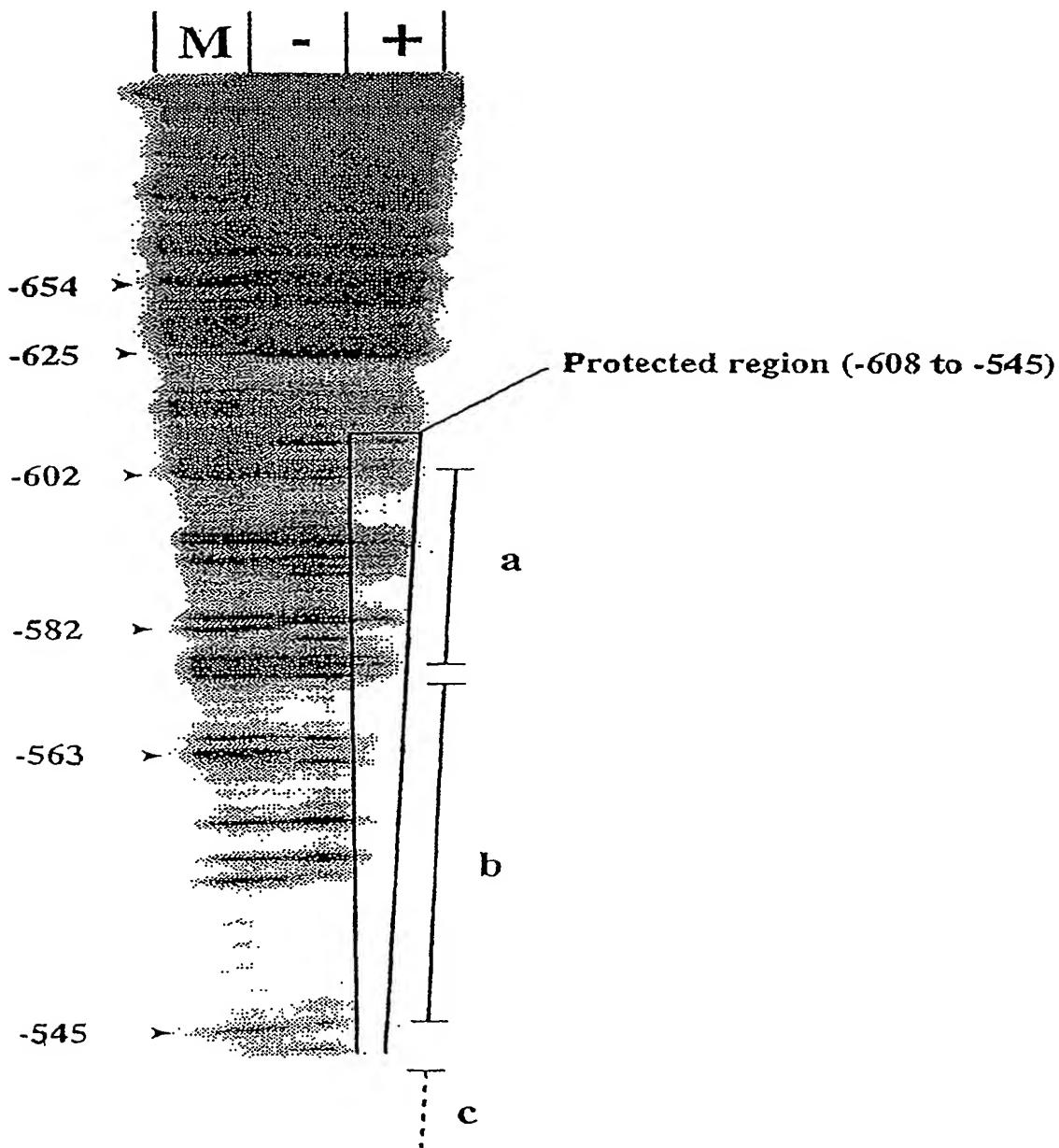
B



**BEST AVAILABLE COPY**

**Figure 5**

A

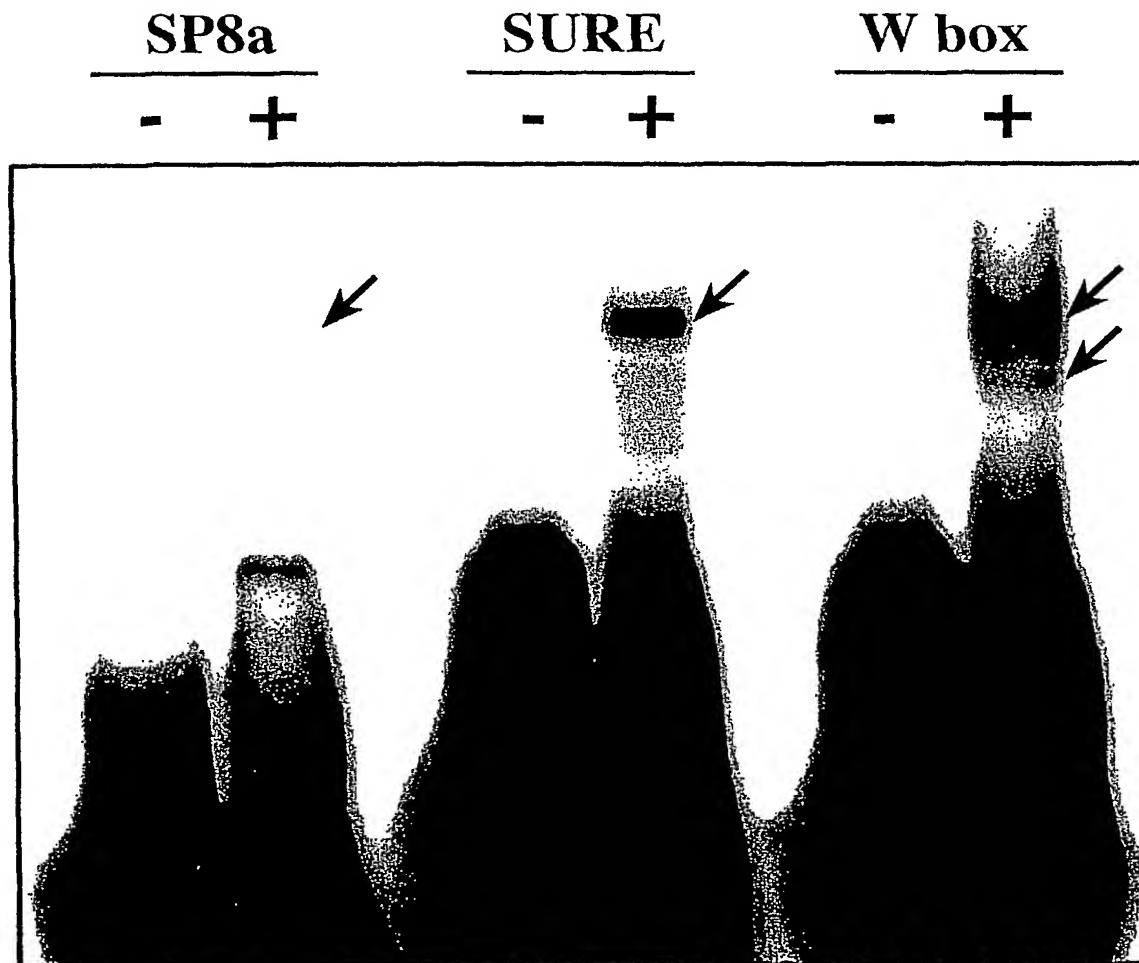


**Protected region** -568 AATAACCAAAAAATAATAATAAAA -545  
**Patatin SURE sequence** AATAACTAATAAAGAATAGAAAAAA

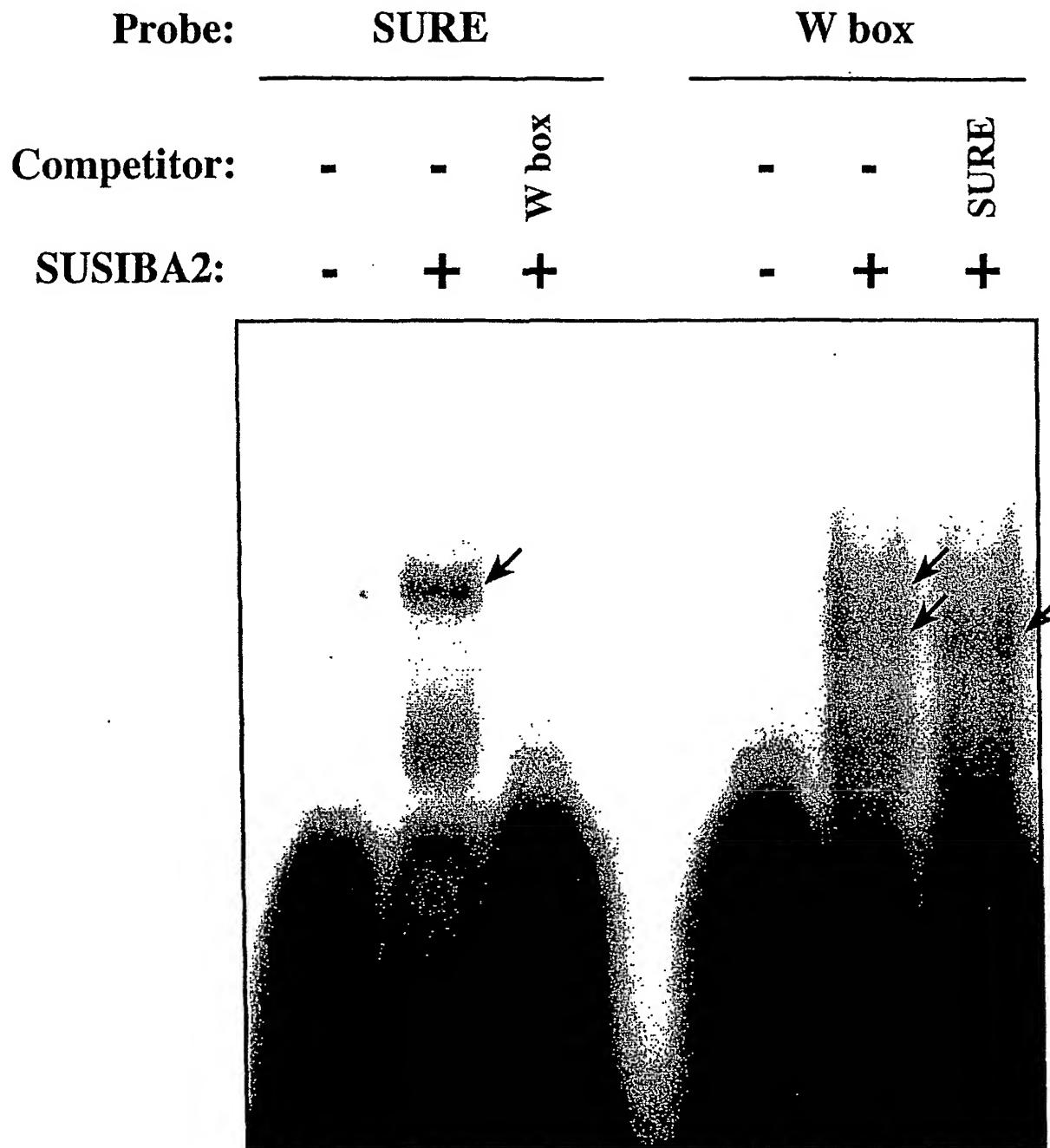
6/14

Figure 6**A**

SP8a probe	-772	CCCTCGTGGAAAGCAAAACTGTGTTCTCGC	-743
		GGGAGCACCTCGTTGACACAAAGAGCG	
SURE probe	-578	GGAAAACCGAAATACCAAAAAATAATAATAATAAT	-539
		CCTTTGGCTTATGGTTTTATTATTATTATTATT	
W box probe	-411	TCGCTAACCAAGTGAATTCCACGTTCATCATTATT	-376
		AGCGATTGGTCACTGAAGGTGCAAAGTAGTAAATAA	

**B**

BEST AVAILABLE COPY

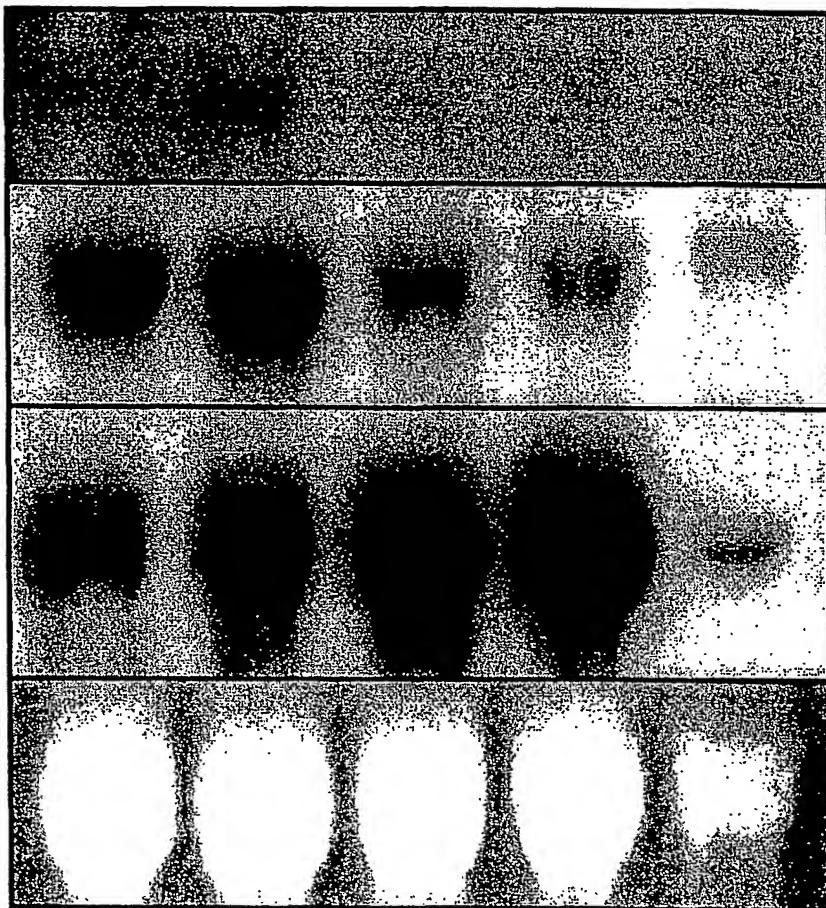
Figure 7

BEST AVAILABLE COPY

8/14

Figure 8**A**

7 12 17 22 27 (d. a. p.)

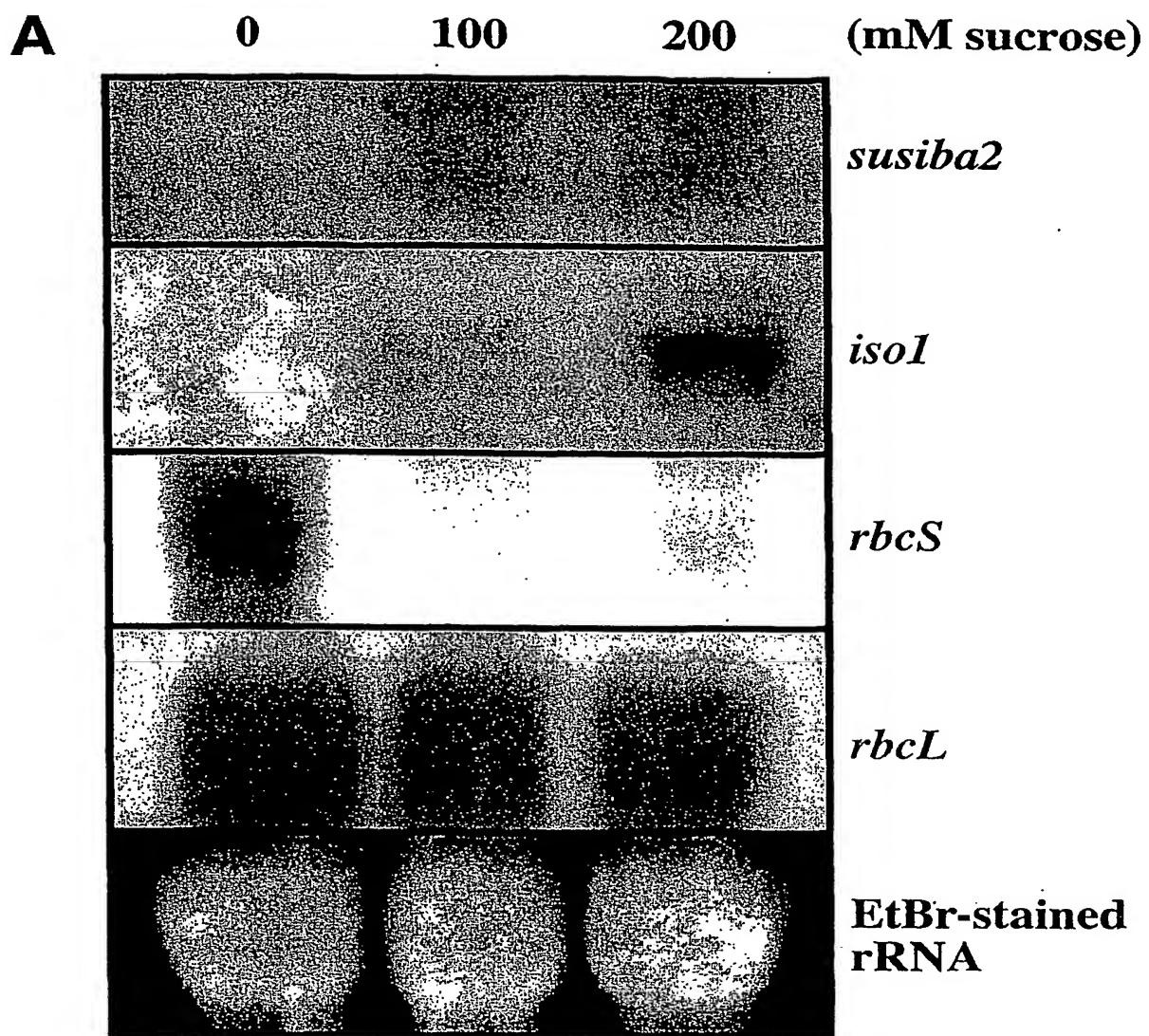
*susiba2**isol**pazl*EtBr-stained  
rRNA**B**

7 12 17 22 27 (d. a. p.)



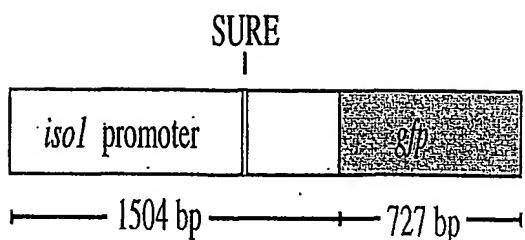
Sucrose

BEST AVAILABLE COPY

9/14  
Figure 9

BEST AVAILABLE COPY

10/14

**Figure 10****A***isol::gfp* construct

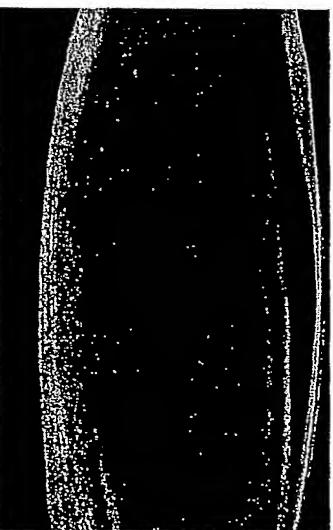
Decoy

GGAAAACCGAAATACCAAAAAATAATAATAATAATAAT  
CCTTTGGCTTATGGTTTTATTATTATTATTATTATTATT

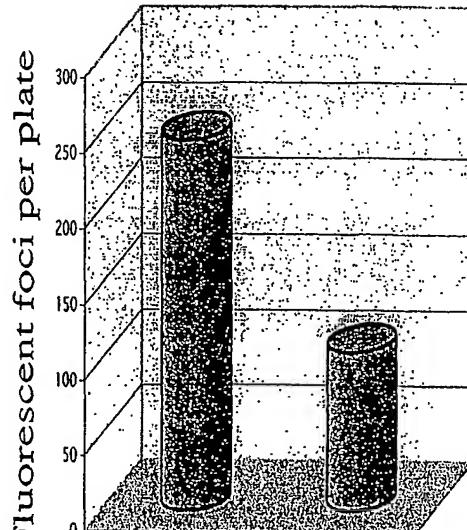
— SURE —

**B**

- Decoy



+ Decoy

**C**

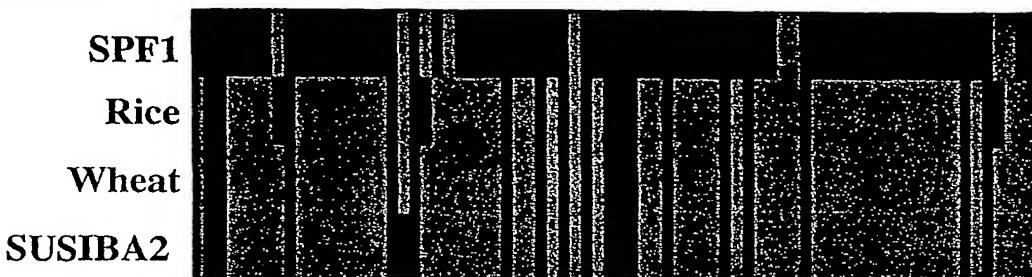
- Decoy

+ Decoy

11/14

Figure 11**A**

Residue No. 20 40 60



100 % identity

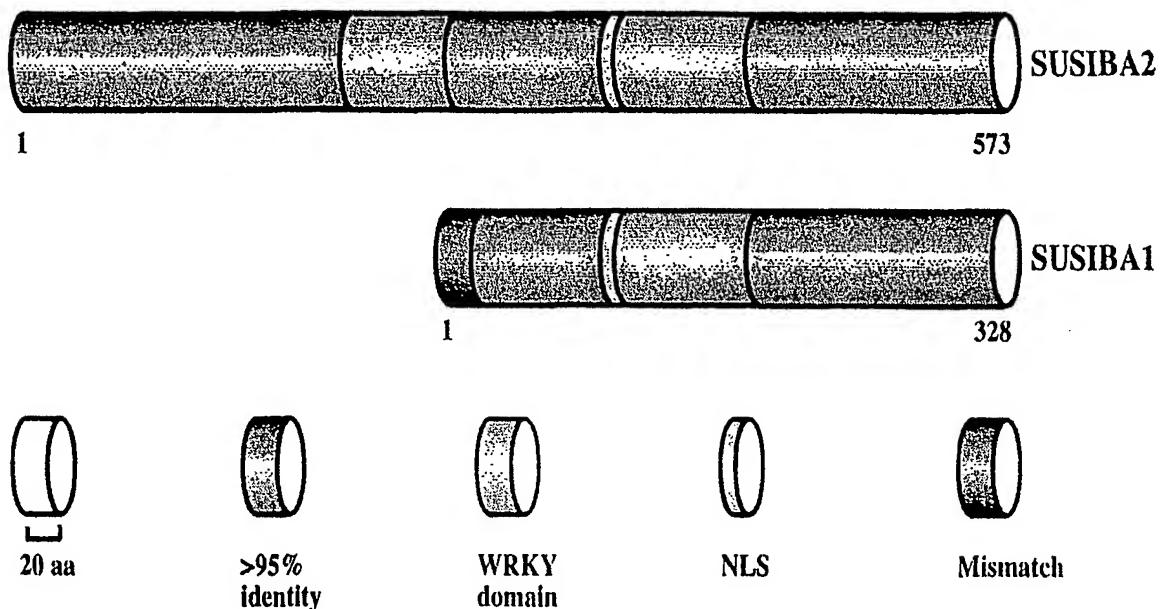
Mismatch

**B**

SUSIBA2	MSPARLPISRESCLTIPAGFSPSALL	SPVLLTNFKVEPSPTTGSLGMAAI	HKSAHPDM
Rice	MSPARLPISREPCLTIPAGFSPSALL	SPVLLTNFKVEPSPTTGSLGMAAI	ENKSAHPDM
SUSIBA2	LPSPRDKSVRNAHEDRGSRDFEFKPHLNSSSQS	PAAPAMSDLKKHEHSMQNO	NPSSSS
Rice	LPSPRDKLSGSTHEDRGSRDFEFKPHLNSSSQS	TAASAIINDPKKHE	SMKNEINTALSSD
SUSIBA2	NMNEENRPFCSRESSLTVNMS-AQNO	PVGVLTDSPAEVGTSEPOOMNSSD	NAMQESQ
Rice	DMTNEPFCRESSLTVNMS-SAPQ	VGVLTDSSPAEVGTSELHQMNSS	GNAQESQ
SUSIBA2	SENVAEKSADDGYNWRKYGQKHVKGSENPRSY	KTHPNC	EVKKLLERAUDGLITEVVYK
Rice	PESVAEKSADDGYNWRKYGQKHVKGSENPRSY	KTHPNC	DVKLLERSLDGQITEVVYK
SUSIBA2	GRHNHPKPQPNRRLAGGA	AVPSNOGEERYD	GASAA
Rice	GRHNHPKPQPNRRLSAGAVPPIQGEERYD	VAT	DDKSSNVL
SUSIBA2	SVD	DDDD	LAGGGRPYPGDDA
Rice	SVD	DDDD	LAGGGRPYPGDDA
SUSIBA2	EVPA	RNA	HEMSAPP
Rice	EVPA	RNA	HEMSAPP
SUSIBA2	LGVG	ISP	NHS
Rice	LGVG	ISP	NHS
SUSIBA2	REEK	G	NEGFTF
Rice	REEK	P	SEGFTFKAT

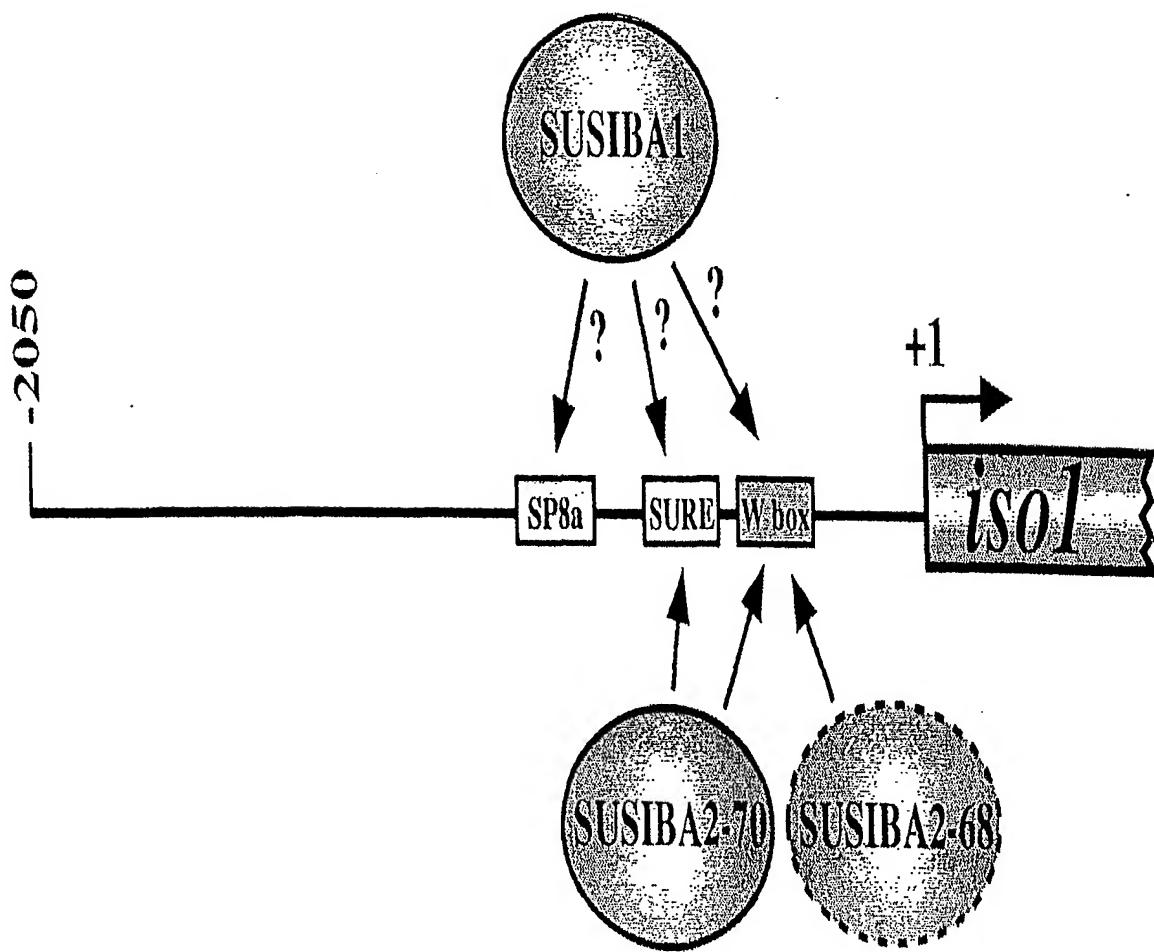
REST AVAILABLE COPY

12/14

Figure 12

BEST AVAILABLE COPY

13/14

Figure 13

BEST AVAILABLE COPY

14/14

Figure 14

SURE-c	-514	-----AAAAAATAAAAAGAAAATGAAATC-----	-494
SURE-b	-568	-----AATACCAAAAAAATAA-TAATAAAA-----	-546
SURE-a	-603	-----CCGAAAAAAACTAAGAAAGACCGATG	-578
<i>sbeIIb</i>	-253	-----G-TAATAAAAAA---GG-----G	-240
<i>ssi</i>	-589	-----AAATCCTAAAAAAAT-----	-570
<i>agpaseS</i>	-1132	-----TA-AAATAAAAAC-AAAG-----G	-1116
<i>amy</i>	-1375	-----GCAGAAGATAAAAAACAA-----	-1356
<i>sbeI</i>	-314	-----ACATA-AAATAAAAAA---AG-----G	-297
<i>sus4</i>	-1287	-----AATAAAAGAAGTAGAAAAA-----	-1270
<i>vsp</i>	-759	-----AAAGA-AAATAAAAATAAAG-----	-778
<i>PI-II</i>	-548	ATGATAATTA-TTAAACAAAGCAAGT-----	-520
<i>ps20</i>	-172	-----AATACTAATAAGAA-TAGAAAAA-----G	-149

BEST AVAILABLE COPY